

市販鶏肉からの CTX-M 基質拡張型 β -ラクタマーゼ (ESBL) 遺伝子保有株 の分離と分離株の解析

八柳 潤 今野貴之 齊藤志保子

CTX-M 遺伝子は *Kluyvera* 属菌の染色体遺伝子に由来すると考えられているが、*Kluyvera* 属菌の Reservoir に関する報告はほとんどみあたらない。我々は、市販鶏肉を対象として CTX-M 遺伝子を保有する *Kluyvera* 属菌の検出を試みた。秋田市内のスーパーで購入した鶏肉 16 検体を供試し、CTX-M2 Group 遺伝子陽性 *E. coli* 1 株と、これまでに報告されていない CTX-M1 Group 遺伝子を保有する *K. cryocrescens* 2 株を分離した。分離された *K. cryocrescens* 2 株の CTX-M 遺伝子の周辺には、CTX-M 遺伝子の転移に関与するとされる *ISEcp1* により認識され得る遺伝子構造が存在していた。我々の成績は *Kluyvera* 属菌が CTX-M 遺伝子自体のジーンプールとなっている可能性を示すと共に、鶏の腸管が CTX-M 遺伝子保有大腸菌などの発生に関与する可能性を示唆するものと考えられた。今後も鶏が保有する *Kluyvera* 属菌とプラスミド性 CTX-M 遺伝子を保有する腸内細菌の遺伝子を解析し、CTX-M 遺伝子の起源に関する知見を集積する必要がある。

1. 緒言

CTX-M 基質拡張型 β -ラクタマーゼ (ESBL) は、近年、国内外共に ESBL の主流となっている¹⁾。*Escherichia coli* や *Proteus mirabilis* などの腸内細菌科に属する臨床分離株において、CTX-M 遺伝子は 7 Kb から 160 Kb の伝達性プラスミド上にコードされている¹⁾。この CTX-M 遺伝子は、*K. gerogiana*, *K. ascorbata*, *K. cryocrescens* などの *Kluyvera* 属菌の染色体遺伝子に由来すると考えられている²⁻⁶⁾。とりわけ、Rodriguez らは CTX-M3 遺伝子を染色体に保有する *K. ascorbata* を環境材料から分離し、CTX-M3 遺伝子が CTX-M1 Group 遺伝子の起源である可能性を指摘している⁶⁾。一方、市販鶏肉が大腸菌などの CTX-M 型 ESBL 産生菌に汚染されていることが報告されており^{7,8)}、鶏肉が CTX-M 型 ESBL 産生菌の感染源となる可能性が指摘⁸⁾されているが、*Kluyvera* 属菌の Reservoir に関する報告はほとんどみあたらない。我々は、*Kluyvera* 属菌の Reservoir に関する知見を得ることを目的として、市販鶏肉を対象として CTX-M 遺伝子を保有する *Kluyvera* 属菌の検出を試みた。

2. 方法

2.1 鶏肉からの CTX-M 型遺伝子保有株の分離

平成 22 年 6 月と 7 月に秋田市内のスーパーで購入した鶏肉 16 検体を供試した。鶏肉 25 g を

BPW 225 ml に接種し、35°C で 1 夜培養した。培養液を 1% Cellobiose 加マッコンキアガーに CTX 4 μ g/ml、またはセファロチン 2 μ g/ml を加えた分離平板で 37°C 1 夜分離培養した。菌苔の濃厚発育部分からアルカリ法で抽出した DNA をテンプレートとして、表 1 に示す Pagani ら⁹⁾が報告した CTX-MU1/CTX-MU2 プライマーを使用する PCR により CTX-M 遺伝子保有株のスクリーニングを実施した。陽性となった平板は、発育した個々のコロニーについて同 PCR により CTX-M 遺伝子保有株を特定した。特定された CTX-M 遺伝子保有株については、表 1 に示すプライマーを使用して CTX-M 遺伝子を群別した。また、16S リボゾーナル RNA のシーケンスを決定¹⁰⁾し、BLAST 解析を行うと共に、API20E (バイオメリュー) により菌種を同定した。

分離株の薬剤感受性はドライプレート DPD1 と DP21 (栄研化学) により検討した。

2.2 鶏肉から分離された *K. cryocrescens* #4 と #8 の CTX-M 遺伝子を含む染色体 DNA 断片のクローニングと解析

鶏肉から分離された、CTX-M 遺伝子陽性 *K. cryocrescens* #4 と #8 から QIAamp DNA minikit (Qiagen) を使用して染色体 DNA を分離・精製し、

BamH1 で消化した。得られた DNA 断片を、あらかじめ BamH1 で消化した pBCKS ベクター (Stratagene) にライゲートし、Competent JM109 を Transform した。0.008% X-gal, 14.75 mg/ml IPTG, 30 µg/ml CP, 2 µg/ml CEZ を加えた L Agar Plate を使用して、CTX-M 遺伝子を含む Transformant を選択し、JM109 4-1 と JM109 8-1 を得た。

JM109 4-1 と JM109 8-1 から QIAquick spin mini kit (Qiagen) を使用してプラスミド p4-1 と p8-1 を調製し、T3, T7, CTX-MU1, CTX-MU2 プライマーを使用して、クローニングされた DNA 断片 (インサート 4-1, インサート 8-1) のシークエンスを決定した後、プライマーウォーキング法によりインサート 4-1 は約 3.3 Kb, インサート 8-1 は約 3.7 Kb の DNA シークエンスを決定した。

3. 結果

3.1 鶏肉からの CTX-M 型遺伝子保有株の分離

表 2 に鶏肉から分離された CTX-M 遺伝子陽性株を示す。6 月 24 日に購入した岩手県産純白鶏モモ (検体番号 4) 及び 7 月 8 日に購入した岩手県産若鶏モモ挽肉 (検体番号 8) から、CTX-M1 Group 遺伝子陽性 *K. cryocrescens* が分離された (菌株番号: #4-1 と #8-1)。一方、7 月 1 日に購入した岩手県産若鶏モモ挽肉 (検体番号 7) から CTX-M2 Group 遺伝子陽性 *E. coli* が分離された (菌株番号 #7-5-3)。

分離株の薬剤感受性を表 3 に示す。*K. cryocrescens* は #4-1 株, #8-1 株いずれも ABPC に耐性, CTX, CAZ, IPM, AMK, MINO, LVFX に感受性であった。また, #4-1 株は AZT 感受性であったのに対して, #8-1 株は AZT 中等度耐性であった。一方, *E. coli* #7-5-3 株は ABPC, CTX, IPM, AZT, AMK 耐性, CAZ, MINO, LVFX 感受性であった。

以上の結果から、鶏肉から分離された *K. cryocrescens* 2 株は、CTX-M1 Group 遺伝子を保有するものの CTX に耐性を示さないことが示された。一方、CTX-M2 Group 遺伝子を保有する *E. coli* #7-5-3 株は CTX 耐性 CAZ 感受性という、CTX-M 型 ESBL 産生株に典型的な耐性パターンを示し、IPM, AZT, AMK にも耐性を示すという、特徴的な多剤耐性傾向にあることが明らかとなった。

3.2 *K. cryocrescens* #4 と #8 の CTX-M 遺伝子を含む染色体 DNA 断片の解析

T3 プライマーと T7 プライマーを使用した検討により、p4-1 には *K. cryocrescens* #4 の染色体に由来する約 23 Kb の DNA 断片、p8-1 には *K. cryocrescens* #8 の染色体に由来する約 5 Kb の DNA 断片が組み込まれていることが判明した。プライマーウォーキング法により p4-1 のインサート 3,296 bp, p8-1 のインサート 3,742 bp の DNA シークエンスを決定し、解析した結果を図 1 に示す。インサート 4-1, 8-1 の *bla*_{CTX-M} 遺伝子周辺の遺伝子構造はほぼ同一で、Asparatate amino transferase, *bla*_{CTX-M}, *orf477* (Reverse strand), そして *orf1* の順にコードされていることが明らかとなった。

CTX-M1 Group に属する、プラスミド性 CTX-M3 遺伝子の Start Codon 上流部とインサート 4-1, 8-1 の CTX-M 遺伝子の上流部の DNA シークエンスを比較した結果を図 2 に、プラスミド性 CTX-M15 遺伝子の Stop Codon 下流部とインサート 4-1, 8-1 CTX-M 遺伝子の下流部の DNA シークエンスを比較した結果を図 3 にそれぞれ示す。インサート 4-1, 8-1 CTX-M 遺伝子の上流部と下流部の DNA シークエンスはほぼ同一であり、シークエンスの保存性が高いことが明らかとなった。CTX-M 遺伝子の Start Codon から -127 bp の領域は、プラスミド性 CTX-M3 遺伝子の Start Codon 上流部のシークエンスとほぼ一致していたが、プラスミド性 CTX-M3 遺伝子では -128 bp 以遠が *ISEcp1* 遺伝子の *IRR1*¹⁾ となり、インサート 4-1, 8-1 の CTX-M 遺伝子の上流部のシークエンスとはこの部分から異なった (図 2)。一方、CTX-M 遺伝子の Stop Codon 下流域の DNA シークエンスは *ISEcp1* 遺伝子の Putative *IRR*⁶⁾ の 3' 末端まではプラスミド性 CTX-M15 遺伝子、インサート 4-1, 8-1 遺伝子ともにほぼ一致していたが、Putative *IRR3'* からさらに下流ではプラスミド性 CTX-M15 遺伝子の DNA シークエンスは Insert 4-1, 4-8 の DNA シークエンスと異なっていた。

*bla*_{CTX-M4-1} と *bla*_{CTX-M8-1} の DNA シークエンスをアミノ酸配列に翻訳し、Protein BLAST 解析した結果を表 4 と表 5 にそれぞれ示す。CTX-M4-1 タンパク、CTX-M8-1 タンパク共に、同一の配列を持つ CTX-M タンパクは報告されていなかった。

CTX-M 4-1 タンパクはアミノ酸残基 291 個中 290 個が CTX-M3 と CTX-M30 とに一致し、これらとの相同性が最も高いこと、一方、CTX-M 8-1 タンパクはアミノ酸残基 291 個中 290 個が CTX-M68 と一致し、CTX-M68 と最も相同性が高いことが明らかとなった。

4. 考察

今回、我々は CTX-M2 Group 遺伝子を保有する大腸菌と CTX-M1 Group 遺伝子を保有する *K. cryocrescens* を秋田市内で市販されていた鶏肉から初めて分離した。CTX-M 型 ESBL 産生菌（腸内細菌、plasmid 性）を市販鶏肉から分離した報告は国内においても散見されるが、市販鶏肉から染色体性 CTX-M 遺伝子を保有する *Kluyvera* 属菌を分離した報告はみあたらない。*Kluyvera* 属菌のうち、*K.georgiana* は CTX-M9 Group²⁾、CTX-M8 Group³⁾、*K.ascorbata* は CTX-M3⁶⁾、KLUA (CTX-M2 Group)¹⁾⁵⁾、*K.cryocrescens* は KLUC-1⁴⁾ 遺伝子を染色体にコードしていることが報告されている。そして、大腸菌等の腸内細菌が保有するプラスミド性 CTX-M 遺伝子は、*Kluyvera* 属菌の染色体性 CTX-M 遺伝子に由来すると考えられている¹⁾。Decousser らが報告⁴⁾した *K.cryocrescens* の KluC-1 遺伝子は、CTX-M1 Group に近縁ではあるものの、CTX-M1 との相同性は約 85% に過ぎず¹⁾、CTX-M1 Group とは別群に属すると提唱されている。これに対して、今回我々が鶏肉から分離した *K.cryocrescens* が保有する CTX-M 遺伝子は CTX-M1 Group に属し、一株が CTX-M3 と CTX-M30、もう一株が CTX-M68 とアミノ酸レベルで約 99.6% の相同性を示すことが明らかとなった。以上の結果は、*K.georgiana*^{2,3)}、*K.ascorbata*^{1,5,6)} と同様に、*K.cryocrescens* も複数種類の CTX-M 遺伝子を染色体にコードしていることを示しており、同一種の *Kluyvera* 属菌が複数の CTX-M 遺伝子を染色体にコードしている実態がうかがわれる。

Kluyvera 属菌の染色体にコードされている CTX-M 遺伝子が大腸菌などの腸内細菌のプラスミドに転移する機構には、*ISEcp1* が関与することが指摘¹¹⁾されている。実際、In Vitro で *Kluyvera ascorbata* の染色体性 CTX-M 遺伝子が *ISEcp1* により大腸菌のプラスミドに転移することが実験的に証明されている^{12,13)}。*ISEcp1* は CTX-M8

Group を除くプラスミド性 CTX-M1, 2, 9, 25 Group 遺伝子と共存していることがこれまでに報告されていることと併せて¹²⁾、CTX-M 型 ESBL 産生株の世界的な侵淫には *ISEcp1* による CTX-M 遺伝子のプラスミドへの転移が関与していると考えられる。なお、CTX-M2 遺伝子の転移には Putative transposase とされる *orf513* が関与するという報告¹⁴⁾もあり、このことは *Kluyvera* 属菌の染色体性 CTX-M 遺伝子が腸内細菌に拡散する機構には複数の転移機構が関与していることを示唆している。なお、*ISEcp1* は CTX-M 遺伝子発現の強力なプロモーターとして機能することが報告¹¹⁾されている。実際、染色体性 CTX-M 遺伝子を保有する *Kluyvera* 属菌には *ISEcp1* が共存せず、CTX に対する MIC は 0.06 から 0.25 $\mu\text{g/ml}$ であるのに対して、*ISEcp1* が共存する、プラスミド性 CTX-M 遺伝子を保有する大腸菌の CTX に対する MIC は 4 から 512 $\mu\text{g/ml}$ であることが報告¹⁾されている。我々の成績においても、鶏肉から分離された *K.cryocrescens* は 2 株とも CTX-M 遺伝子の上流には *ISEcp1* が存在せず、CTX に対する MIC はそれぞれ ≤ 1 と 4 $\mu\text{g/ml}$ であったのに対して、CTX-M2 group 遺伝子を保有する大腸菌 #7-5-3 株の CTX に対する MIC は >32 $\mu\text{g/ml}$ であった。

今回、我々が鶏肉から分離した *K.cryocrescens* は 2 株とも CTX-M 遺伝子の上流と下流の DNA シークエンスが非常によく一致していること、そして、CTX-M の Start codon から -127bp までの配列がプラスミド性 CTX-M3 遺伝子の *ISEcp1* 遺伝子の IRR¹¹⁾までの DNA シークエンスと非常に高い相同性を保っていることが明らかとなった。さらに、CTX-M 遺伝子の Stop codon 下流部の DNA シークエンスは、プラスミド性 CTX-M15 遺伝子の下流部に存在する、*ISEcp1* の Putative IRR (18 bp) までの DNA シークエンスと非常に高い相同性を保っていることが明らかとなった。以上の結果は、今回我々が鶏肉から分離した *K.cryocrescens* は 2 株とも、CTX-M 遺伝子周辺に Putative IRR (18bp) を含む *ISEcp1* が認識可能な DNA シークエンスを保有していることを示していると考えられ、このことは、これらの株が染色体にコードしている CTX-M 遺伝子が *ISEcp1* により転移し得る可能性を示唆しているものと考えられる。

5. まとめ

今回、我々は、これまでに報告されていない CTX-M 遺伝子を保有する *K.cryocrescens* を市販鶏肉から分離し、これらの *K.cryocrescens* が *ISEcp1* により認識され得る遺伝子構造を持つことを示した。また、鶏肉から CTX-M2 group 遺伝子を保有する大腸菌も分離した。*Kluyvera* 属菌から腸内細菌に CTX-M 遺伝子が転移する場に関する知見は殆ど報告されていないが、今回の我々の成績は鶏の腸管が CTX-M 遺伝子保有大腸菌などの発生に関与する可能性を示唆するものと考えられ、この点に関して更なる研究が必要である。我々の成績はまた、*Kluyvera* 属菌が CTX-M 遺伝子自体のジーンプール (Reservoir) となっている可能性を示すと考えられる。CTX に加えて CAZ に耐性を示す CTX-M15 遺伝子保有株が世界的に問題となっている。CTX-M15 の起源は明らかではないが、その Progenitor であると考えられている CTX-M3 遺伝子にポイントミューテーションが生じて CTX-M15 となった可能性に加えて、CTX-M15 が *Kluyvera* 属菌の染色体に元々存在していた可能性も考えられ、この点の解明は今後の課題である。今後も鶏が保有する *Kluyvera* 属菌とプラスミド性 CTX-M 遺伝子を保有する腸内細菌の遺伝子を解析し、CTX-M 遺伝子の起源に関する知見を集積する必要がある。

参考文献

- 1) Bonnet R: Growing group of Extended-Spectrum β -lactamase, *Antimicrob. Agents. Chemother.*, **48**, 1, 2004, 1-14.
- 2) Olson AB, Silverman M, Boyd DA, et al : Identification of a progenitor of the CTX-M9 group of Extended-spectrum β -lactamases from *Kluyvera georgiana* isolated in Guyana, *Antimicrob. Agents. Chemother.*, **49**, 5, 2005, 2112-2115.
- 3) Poirel L, Kampfer P, Nordmann P : Chromosome-encoded ambler class A β -lactamase of *Kluyvera georgiana*, a probable progenitor of a subgroup of CTX-M extended-spectrum β -lactamases of *Kluyvera ascorbata*, probable progenitor of some plasmid-encoded CTX-M types, *Antimicrob. Agents. Chemother.*, **46**, 9, 2002, 3045-3049.
- 4) Decousser JW, Poirel L, Nordman P : Characterization of a chromosomally encoded extended-spectrum class A β -lactamase from *Kluyvera cryocrescens*, *Antimicrob. Agents. Chemother.*, **45**, 11, 2001, 3595-3598.
- 5) Humeniuk C, Arlet G, Gautier V, et al : β -lactamases of *Kluyvera ascorbata*, probable progenitors of some plasmid-encoded CTX-M types, *Antimicrob. Agents. Chemother.*, **46**, 12, 2002, 4038-4040.
- 6) Rodriguez MM, Power P, Radice M, et al : Chromosome-encoded CTX-M-3 from *Kluyvera ascorbata* : a possible origin of Plasmid-Borne CTX-M-1-derived Cefotaximases, *Antimicrob. Agents. Chemother.*, **48**, 12, 2004, 4895-4897.
- 7) 石畝 史, 永田暁洋, 鈴木里和 他: 福井県内における人および鶏肉由来基質特異性拡張型 β ラクタマーゼ産生大腸菌の分子疫学的解析, *日本獣医公衆衛生学会誌*, **63**, 2010, 883-887.
- 8) 石原ともえ, 古川一郎, 黒木俊郎 他: 市販鶏肉および市中病院外来患者における ESBL 産生菌の検出状況, *日本食品微生物学雑誌*, **28**, 2, 2011, 123-127.
- 9) Pagani L, Dell'Amico E, Roberta Migliavacca R, et al: Multiple CTX-M-Type Extended-Spectrum β -Lactamases in Nosocomial Isolates of *Enterobacteriaceae* from a Hospital in Northern Italy, *J. Clin. Microbiol.*, **41**, 9, 2003, 4264-4269.
- 10) Ferroni A, Sermet-Gaudelus I, Abachin E, et al : Use of 16S rRNA gene sequencing for identification of nonfermenting gram-negative bacilli recovered from patients attending a single cystic fibrosis center, *J. Clin. Microbiol.*, **40**, 10, 2002, 3793-3797.
- 11) Poirel P, Decousser JW, Nordmann P : Insertion sequence *ISEcp1B* is involved in expression and mobilization of a *bla*_{CTX-M} β -lactamase gene, *Antimicrob. Agents. Chemother.*, **47**, 9, 2003, 2938-2945.
- 12) Lartigue MF, Poirel L, Aubert D, et al : In Vitro analysis of *ISEcp1B*-mediated mobilization of naturally occurring β -lactamase gene *bla*_{CTX-M} of

Kluyvera ascorbata, Antimicrob. Agents. Chemother., **50**, 4, 2006, 1282-1286.

13) Nordmann P, Lartigue MF, poirel L : β -lactam induction of ISEcp1-mediated mobilization of the naturally occurring *bla*_{CTX-M} β -lactamase gene of *Kluyvera ascorbata*, FEMS Microbiol. Lett., **288**,

2, 2008, 247-249.

14) Arduino SM, Roy PH, Jacoby GA et al : *bla*_{CTX-M-2} is located in an unusual class 1 Integron (In35) which includes orf513, Antimicrob. Agents. Chemother., **46**, 7, 2002, 2303-2306.

表 1 CTX-M 遺伝子検出と型別用プライマー

名称	配列 (5'→3')	増幅断片
CTX-MU1	ATG TGC AGY ACC AGT AAR GT	
CTX-MU2	TGG GTR AAR TAR GTS ACC AGA	593 bp
CTX-M1GF	ATG GTT AAA AAA TCA CTG CG	
CTX-M1GR	TTA CAA ACC GTA GGT GAC	876bp
CTX-M2GF	ATG ATG ACT CAG AGC ATT CGC C	
CTX-M2GR	TCA GAA ACC GTG GGT TAC	876 bp
CTX-M9GF	ATG GTG ACA AAG AGA GTG CAA	
CTX-M9GR	TCA CAG CCC TTC GGC GAT	876 bp

表 2 鶏肉から分離された CTX-M 遺伝子陽性株

検体番号	品名	購入月日	検出株	CTX-M 遺伝子	菌株番号
4	岩手県産純白鶏モモ	6/24	<i>K. cryocrescens</i>	CTX-M1 Group	#4-1
7	岩手県産若鶏モモ挽肉	7/1	<i>E. coli</i>	CTX-M2 Group	#7-5-3
8	岩手県産若鶏モモ挽肉	7/8	<i>K. cryocrescens</i>	CTX-M1 Group	#8-1

表 3 鶏肉から分離された CTX-M 遺伝子陽性株の薬剤感受性

菌株番号	MIC μ g/ml							
	ABPC	CTX	CAZ	IPM	AZT	AMK	MINO	LVFX
<i>K. cryocrescens</i> #4-1	32	≤ 1	≤ 0.5	≤ 0.5	≤ 0.5	2	1	≤ 0.5
<i>E. coli</i> #7-5-3	>32	>32	1	>16	>32	>32	≤ 0.5	4
<i>K. cryocrescens</i> #8-1	32	4	4	≤ 0.5	16	2	≤ 0.5	≤ 0.5

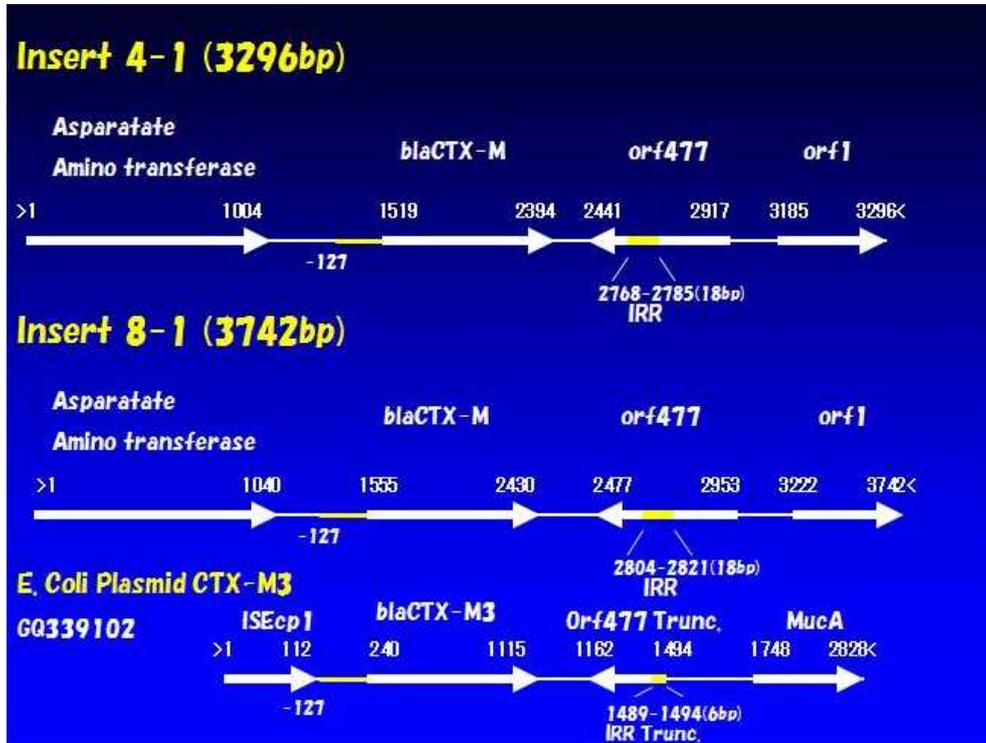


図1 Insert 4-1と Insert 8-1の DNA シーケンス解析結果

```

                -127
4-1  ATTTCAATTCGGTAATAAATTTTCATTCTGGCGACGTCGGTATTTGCCTTTCCGGAAGCATAA
8-1  ATTTCAATTCGGTAATAAATTTTCATTCTGGCGACGTCAGAATTTGCCTTTCCGGAAGCATAA
CTX-M3 ACACACGTTGGAATTTAGGTTTTCATTCTGGCGACGTCGGTATTTGCCTTTCCGGAAGCATAA
      IRR ISEcp1 ***** * *****
4-1  AATCGGACGCGTTGTGGCTCGCTTCAGGTAAAATATTGACTATTCATGGTGTGTTGTTAATT
8-1  AATCGGACGCGTTGTGGCTCGCTTCAGGTAAAATATTGACTATTCATGGTGTGTTGTTAATT
CTX-M3 AATCGGACGCGTTGTGGCTCGCTTCAGGTAAAATATTGACTATTCATGGTGTGTTGTTAATT
      *****
4-1  CGTCTCTTCCAGAATAAGGAATCCCATG
8-1  CGTCTCTTCCAGAATAAGGAATCCCATG
CTX-M3 CGTCTCTTCCAGAATAAGGAATCCCATG
      ***** CTX-M Start Codon

```

図2 Insert 4-1, 8-1 CTX-M 遺伝子上流部と Plasmid CTX-M3 遺伝子上流部のシーケンス比較

CTM-X Stop Codon 60

4-1 TAATAGCGGAAACGGAATGGGGAAACTCATTCCGTTTTTGTATCGCCTTAGACGGCAA

8-1 TAGTTGCGGAAACGGAATGGGGAAACTCATTCCGTTTTTGTATCACCTCAGACGGCAA

E. coli plasmid CTX-M15 TAATAGCGGAAACGGAATGGGGAAACTCATTCCGTTTTTGTATCGCCTTAGACGGCAA

** * ***** **

361

4-1 GAGGGTGTGCGGTGCGGGGCGCACGTAGGTCCCTGGTTCCCATGGCAATAGCCAGACGTTGG

8-1 GAGGGTGTGCGGTGCGGGGCGCACATAGGTCCCAGGTTCC-ATGGCAATGGCCAGACGTTGG

E. coli plasmid CTX-M15 GAGGGTGTGCGGTGCGGGGCGCACGTAGGTCCCAGGTCATATTCCTTCCGGCGTCCGGCATT

***** **

Putative IRR from ISEcp1

図 3 Insert 4-1, 8-1 CTX-M 遺伝子下流部と Plasmid CTX-M15 遺伝子下流部のシーケンス比較

表 4 $bla_{CTX-M4-1}$ の Protein BLAST 解析結果

bla_{CTX-M}	Amino Acid identities
CTX-M3	290/291
CTX-M30	290/291
CTX-M15	289/291
CTX-M22	289/291

表 5 $bla_{CTX-M8-1}$ の Protein BLAST 解析結果

bla_{CTX}	Amino Acid Identities
CTX-M68	290/291
CTX-M10	289/291
CTX-M37	288/291
CTX-M34	288/291
CTX-M3	287/291